

Figure 1 : Alignment of the BASB030 polynucleotide sequences.
Identity to SeqID No:1 is indicated by a dot, and a dash (“-“) indicates a missing nucleotide.

	*	20	*	40	*	
Seqid1 :	ATGAATACCAAACTGACAAAAATCATTTCCGGTCTCTTGTGCAACCGC					50
Seqid3 :					50
Seqid5 :					50

	60	*	80	*	100	
Seqid1 :	CGCCTTCAGACAGCAGTCAGGAAACATTACAGACATCAAAGTTCC					100
Seqid3 :					100
Seqid5 :G.....					100

	*	120	*	140	*	
Seqid1 :	CCCTGCCAACAAACAGAAAATCGTCAAAGTCAGCTTGACAAAGAGATT					150
Seqid3 :					150
Seqid5 :					150

	160	*	180	*	200	
Seqid1 :	GTCAACCCGACCGGCTTCGTAACCTCCTCACCGGCCGCATGCCCTGGA					200
Seqid3 :					200
Seqid5 :					200

	*	220	*	240	*	
Seqid1 :	CTTGAAACAAACCGGCATTTCCATGGATCAACAGGTACTCGAATATGCCG					250
Seqid3 :					250
Seqid5 :					250

	260	*	280	*	300	
Seqid1 :	ATCCTCTGTTGAGCAAAATCAGTGCCGCACAAAACAGCAGCCGTGCGCGT					300
Seqid3 :					300
Seqid5 :					300

2/17

	*	320	*	340	*
Seqid1 :	CTGGTTCTGAATCTGAACAAACCGGGCCAATACAATACCGAAGTACGCGG				350
Seqid3 :				350
Seqid5 :				350

	360	*	380	*	400
Seqid1 :	GAACAAAGTTGGATATTCACTAACGAATCGGACGATACCGTGTCCGCC				400
Seqid3 :				400
Seqid5 :				400

	*	420	*	440	*
Seqid1 :	CCGCACGCCCGCCGTAAAAGCCGCCTGCCGCACCGGAAACAAACAG				450
Seqid3 :				450
Seqid5 :				450

	460	*	480	*	500
Seqid1 :	GGCTGCCGACCGTCTACCAAGTCCGAGTATCCGTATCCAAACCTTTA				500
Seqid3 :				499
Seqid5 :G.....				499

	*	520	*	540	*
Seqid1 :	CCCCGGCAAAACAAACAG-CTGCCGCACCCTTACCGAGTCCGTAGTATCC				549
Seqid3 :G.....				549
Seqid5 :G.....				549

	560	*	580	*	600
Seqid1 :	GTATCCGCACCGTTCAGCCGGCAAAACAAACAGGGCGGGCATCAGCAA				599
Seqid3 :				599
Seqid5 :				599

	*	620	*	640	*
Seqid1 :	ACAAACAGACGGCAGCACCAGCAAAACAAACAGACGGCAGCACCAGCAAAC				649
Seqid3 :				649

3/17

Seqid5 :G.....G..... : 649

	660	*	680	*	700	
Seqid1 :	AACAGGCGGCAGCACCAGCAAACAAACCAATATCGATTCCGCAAAGAC					699
Seqid3 :					699
Seqid5 :					699

	*	720	*	740	*	
Seqid1 :	GGCAAAAATGCCGGCATTATCGAATTGGCTGCATTGGCTTGCCGGCA					749
Seqid3 :					749
Seqid5 :					749

	760	*	780	*	800	
Seqid1 :	GCCCGACATCAGCCAACAGCACGACCACATCGTTACGCTGAAAAACC					799
Seqid3 :					799
Seqid5 :					799

	*	820	*	840	*	
Seqid1 :	ATACCCTGCCGACCACGCTCCAACGCAGTTGGATGTGGCAGACTTAAA					849
Seqid3 :					849
Seqid5 :					849

	860	*	880	*	900	
Seqid1 :	ACACCGGTTCAAAAGGTTACGCTGAAACGCCTCAATAACGACACCCAGCT					899
Seqid3 :					899
Seqid5 :					899

	*	920	*	940	*	
Seqid1 :	GATTATCACAAACAGCCGGCAACTGGGAACTCGTCAACAAATCCGCCGCGC					949
Seqid3 :					949
Seqid5 :					949

960 * 980 * 1000

4/17

Seqid1 : CCGGATACTTACCTCCAAGTCCTGCCGAAAAAACAAAACCTCGAGTCA : 999
Seqid3 : : 999
Seqid5 : : 999

* 1020 * 1040 *
Seqid1 : GCGGGCGTAAACAATGCGCCAAAACCTCACAGGCCGGAAAATCTCCCT : 1049
Seqid3 : : 1049
Seqid5 : : 1049

1060 * 1080 * 1100
Seqid1 : TGACTTCCAAGATGTCGAAATCCGCAACCATCCTGCAGATTTGGCAAAAG : 1099
Seqid3 : : 1099
Seqid5 : : 1099

* 1120 * 1140 *
Seqid1 : AATCCGGGATGAACATTGTTGCCAGCGACTCCGTCAACGGCAAAATGACC : 1149
Seqid3 : : 1149
Seqid5 :A..... : 1149

1160 * 1180 * 1200
Seqid1 : CTCTCCCTCAAAGACGTACCTTGGATCAGGCTTGGATTTGGTTATGCA : 1199
Seqid3 : : 1199
Seqid5 :G..T..G..... : 1199

* 1220 * 1240 *
Seqid1 : GGCACGCAACCTCGATATGCGCCAACAAGGGAACATCGTCAACATCGCGC : 1249
Seqid3 : : 1249
Seqid5 : ...G.....G.....T..... : 1249

1260 * 1280 * 1300
Seqid1 : CCCGCGACGAGCTGCTGCCAAAGACAAAGCCTTCTACAGGCCGGAAAAA : 1299
Seqid3 : : 1299
Seqid5 :C.....A..... : 1299

5/17

* 1320 * 1340 *

Seqid1 : GACATTGCCGATCTAGGCGCGCTGTATTCACAAAATTCCAATTGAAATA : 1349

Seqid3 : : 1349

Seqid5 :T.G..T.....C.....G..... : 1349

1360 * 1380 * 1400

Seqid1 : CAAAAATGTGGAAGAATTCCGCAGCATTGCAGCTTGGACAATGCCGACA : 1399

Seqid3 : : 1399

Seqid5 : : 1399

* 1420 * 1440 *

Seqid1 : CAACCGGAAACCGCAATACGCTTGTCAAGCGGCAGGGGCAGCGTGCTGATC : 1449

Seqid3 : : 1449

Seqid5 : .G.....C.....A..... : 1449

1460 * 1480 * 1500

Seqid1 : GATCCGCCACCAATACCTGATTGTTACCGATAACCGCAGCGTCATCGA : 1499

Seqid3 : : 1499

Seqid5 :C.....C..... : 1499

* 1520 * 1540 *

Seqid1 : AAAATTCCGCAAACGTGATTGACGAATTGGACGTACCCGCGCAACAAGTGA : 1549

Seqid3 : : 1549

Seqid5 : : 1549

1560 * 1580 * 1600

Seqid1 : TGATTGAGGCCGCGTATCGTCGAAGCGGCAGACGGCTTCGCGCGATTG : 1599

Seqid3 : : 1599

Seqid5 : : 1599

* 1620 * 1640 *

Seqid1 : GGC GTTAAATT CGGC CGC GAC AGG CAAG AAA AGCT GAAA ATG AT AAG : 1649

Seqid3 : : 1649

6/17

Seqid5 : : 1649

1660 * 1680 * 1700
Seqid1 : CGCATTCTGGCTGGGGGTAAACTCCGGCTTCGGCGGCGACGATAATGGG : 1699
Seqid3 : : 1699
Seqid5 : : 1699

* 1720 * 1740 *
Seqid1 : GGGCCGAAACCAAAATCAACCTGCCGATTACCGCTGCCGCAAACAGCATT : 1749
Seqid3 : : 1749
Seqid5 : : 1749

1760 * 1780 * 1800
Seqid1 : TCGCTGGTGC CGCGATTCCCTCCGGTGCCTTGAATTGGAATTGTCCGC : 1799
Seqid3 : : 1799
Seqid5 : : 1799

* 1820 * 1840 *
Seqid1 : ATCCGAATCGCTTTCAAAAACCAAAACGCTTGCCAATCCGCGCGTGCTGA : 1849
Seqid3 : : 1849
Seqid5 : : 1849

1860 * 1880 * 1900
Seqid1 : CCCAAAACCGCAAAGAGGCCAAATCGAATCCGGTTACGAAATTCTTTC : 1899
Seqid3 : : 1899
Seqid5 : : 1899

* 1920 * 1940 *
Seqid1 : ACCGTAACCTCAATCGCGAACGGCGGCAGCAGCACGAACACGGAACCAA : 1949
Seqid3 : : 1949
Seqid5 : : 1949

1960 * 1980 * 2000

7/17

Seqid1 : AAAAGCCGTCTGGGGCTGACCGTTACGCCAACATCACGCCGACGGCC : 1999
Seqid3 : : 1999
Seqid5 : : 1999

* 2020 * 2040 *
Seqid1 : AAATCATTATGACCGTAAAATCAACAAGGACTCGCCTGCGCAATGTGCC : 2049
Seqid3 : : 2049
Seqid5 : : 2049

2060 * 2080 * 2100
Seqid1 : TCCGGTAATCAGACGATCCTGTGTATTCGACCAAAAACCTGAATACGCA : 2099
Seqid3 : : 2099
Seqid5 : : 2099

* 2120 * 2140 *
Seqid1 : GGCTATGGTTGAAAACGGCGGCACATTGATTGTCGGCGTATTTATGAAG : 2149
Seqid3 : : 2149
Seqid5 : : 2149

2160 * 2180 * 2200
Seqid1 : AAGACAACGGCAATACGCTGACCAAAGTCCCCCTGTTGGCGACATCCCC : 2199
Seqid3 : : 2199
Seqid5 : : 2199

* 2220 * 2240 *
Seqid1 : GTTATCGGCAACCTCTTAAAACACGCGGGAAAAAAACGACCGCCGCGA : 2249
Seqid3 : : 2249
Seqid5 : : 2249

2260 * 2280 * 2300
Seqid1 : ACTGCTGATTTCATTACCCCGAGGATTATGGGTACGGCCGGAACAGCC : 2299
Seqid3 : : 2299
Seqid5 : : 2299

8/17

*
Seqid1 : TGCCTATTGA : 2310
Seqid3 : : 2310
Seqid5 : : 2310

9/17

Figure 2 : Alignment of the BASB030 polypeptide sequences.
Identity to SeqID No:2 is indicated by a dot.

60 * 80 * 100
Seqid2 : VNPTGFVTSSPARIALDFEQTGISMMDQQVLEYADPLLSKISAAQNSSRAR : 100
Seqid4 : : 100
Seqid6 : : 100

* 120 * 140 *
Seqid2 : LVNLNLKPGQYNTEVRGNKVWIFINESDDTVSAPARPAVKAAPAAPKQQ : 150
Seqid4 : : 150
Seqid6 : : 150

	160	*	180	*	200	
Seqid2	GCRTVYQVRSIRIQTLYPGKTTAAAPFTESVVSVSAPFSPAQQAAASAK					: 200
Seqid4	AAAPSTKSAVSVSKPFT.A.QQ.....					: 200
Seqid6	AAAPSTKSAVSVSEPF.T.A.QQ.....					: 200

	*	220	*	240	*
Seqid2 :	QQTAAPAKQQTAAPAKQQAAAPAKQTNIDFRKDGNAGIIELAALGFAGQ	:	250		
Seqid4 :	:	250		
Seqid6 :	..A.....A.....	:	250		

260 * 280 * 300
Seqid2 : PDISQQHDHIVTTLKNHTLPTTLQRSLDVADFKTPVQKVTLKRLNNNDTQL : 300
Seqid4 : : 300
Seqid6 : : 300

10/17

* 320 * 340 *
Seqid2 : IITTAGNVELVNKSAAPGYFTFQVLPKKQNLESGGVNNAPKTFTGRKISL : 350
Seqid4 : : 350
Seqid6 : : 350

360 * 380 * 400
Seqid2 : DFQDVEIRTIQILAKESGMNIVASDSVNGKMTLSLKDVPWDQALDLVMQ : 400
Seqid4 : : 400
Seqid6 : : 400

* 420 * 440 *
Seqid2 : ARNLDLDRQQGNIVNIAPRDELLAKDKAFLQAEKDIADLGALYSQNFQLKY : 450
Seqid4 : : 450
Seqid6 :L..... : 450

460 * 480 * 500
Seqid2 : KNVEEFRSILRLDNADTTGNRNTLVSGRGSVLIDPATNTLIVTDTRSVIE : 500
Seqid4 : : 500
Seqid6 :I..... : 500

* 520 * 540 *
Seqid2 : KFRKLIDELDVPAAQQVMIEARIVEAADGFSRDLGVKFGATGKKKLKNDTS : 550
Seqid4 : : 550
Seqid6 : : 550

560 * 580 * 600
Seqid2 : AFGWGVNSGFGGDDKWAETKINLPITAAANSISLVRAISSGALNLELSA : 600
Seqid4 : : 600
Seqid6 : : 600

* 620 * 640 *
Seqid2 : SESLSKTKTLANPRVLTQNRKEAKIESGYEIPFTVTSIANGGSSTNTELK : 650

11/17

Seqid4 : : 650
Seqid6 : : 650

660 * 680 * 700
Seqid2 : KAVLGLTVTPNITPDGQIIMTVKINKDSPACASGNQTILCISTKNLNTQ : 700
Seqid4 : : 700
Seqid6 : : 700

* 720 * 740 *
Seqid2 : AMVENGGTLIVGGIYEEDNGNTLTKVPLLGDIPVIGNLFKTRGKKTDRRE : 750
Seqid4 : : 750
Seqid6 : : 750

760
Seqid2 : LLIFITPRIMGTAGNSLRY : 769
Seqid4 : : 769
Seqid6 : : 769

12/17

Figure 3. Expression and purification of recombinant BASB030 in *E. coli*.

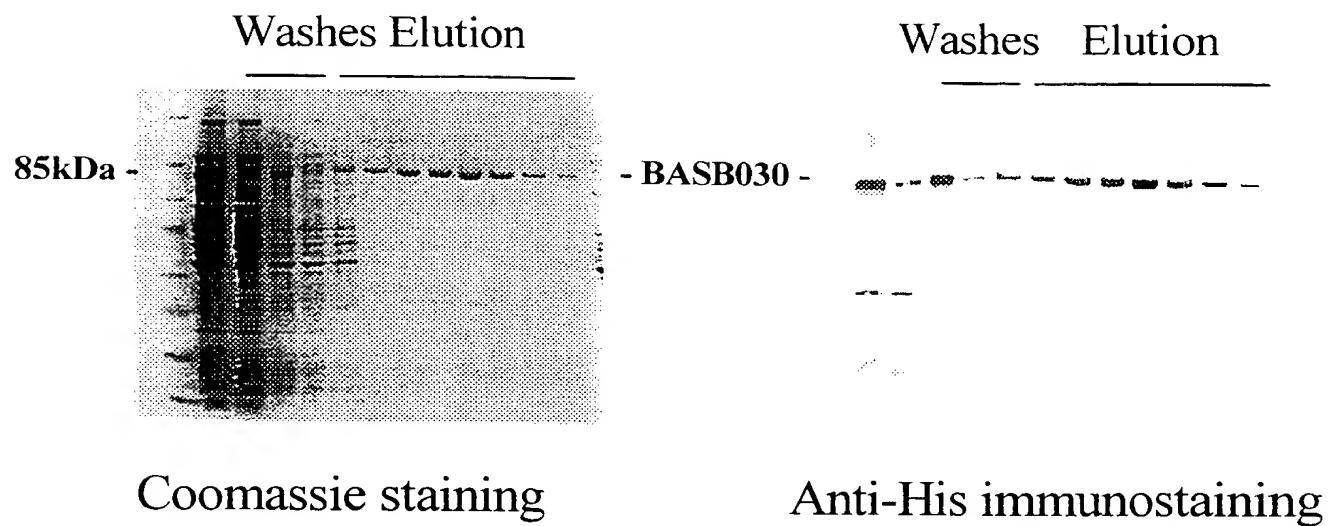


Figure 4 : Immunogenicity of the native BASB030 polypeptide. Analysis of the anti-native BASB030 polypeptide on recombinant BASB030 by Elisa.

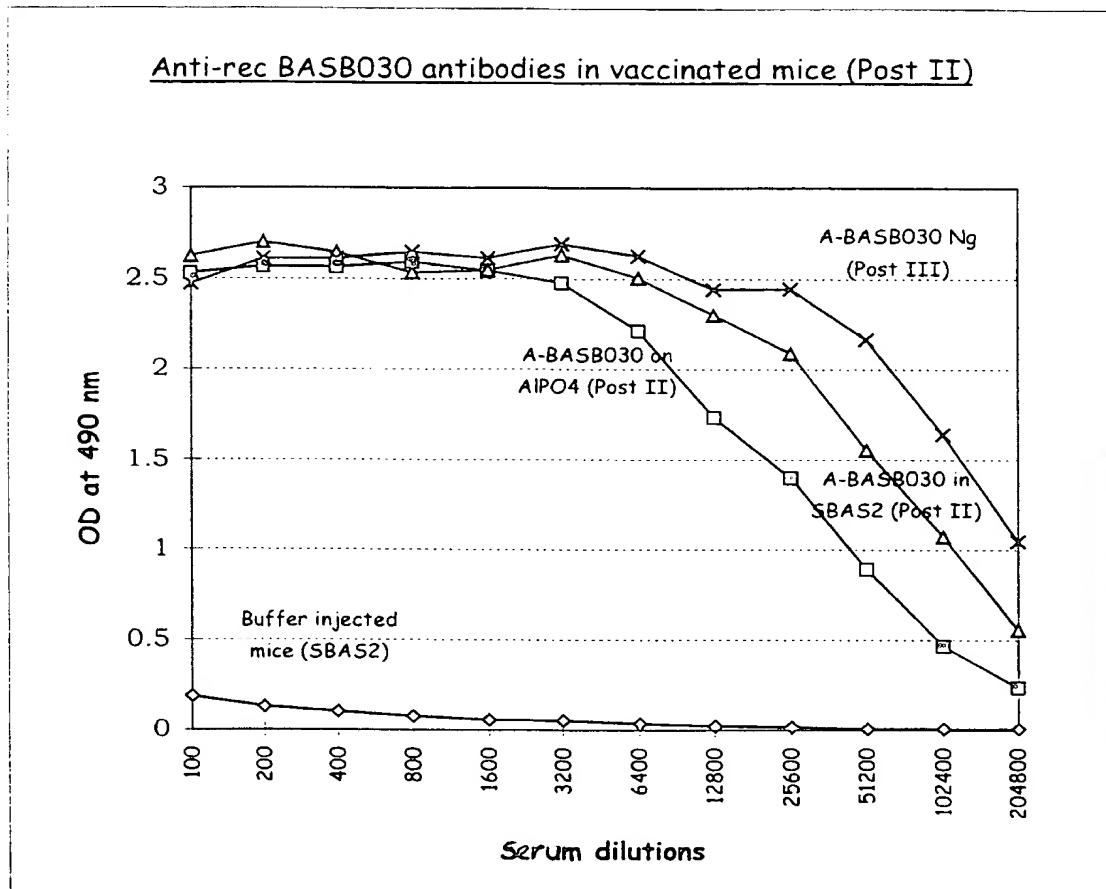
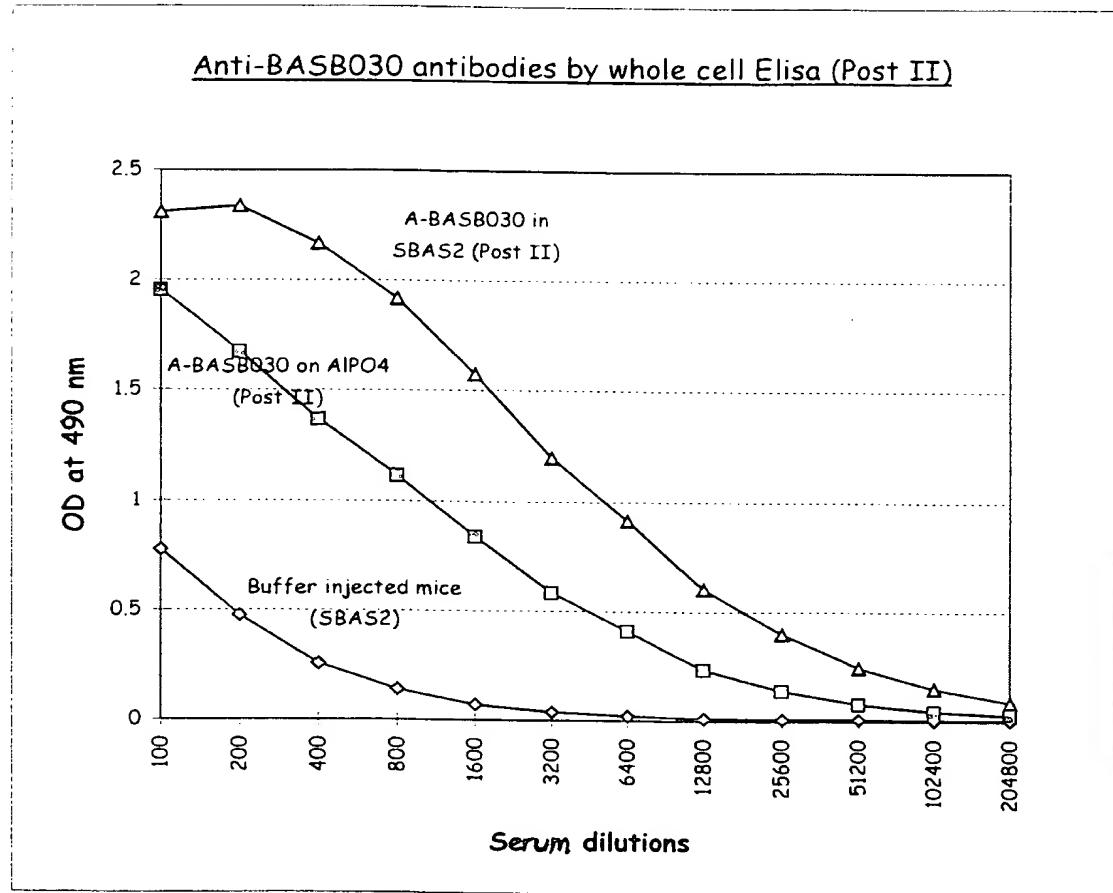
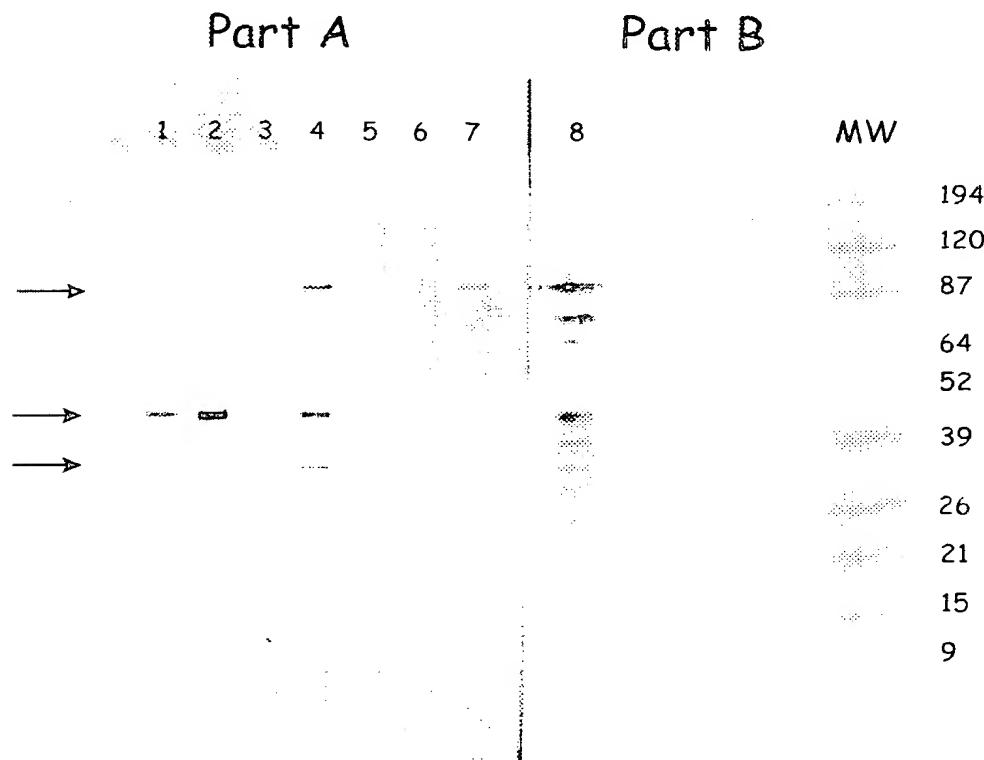


Figure 5 : Immunogenicity of the native BASB030 polypeptide. Analysis of the anti-native BASB030 polypeptide response on whole cells by Elisa.



15/17

Figure 6 : Anti-BASB030 antibodies in human convalescent sera (part A) and in immunized mice (part B) by western-blotting using native BASB030 into the gel.

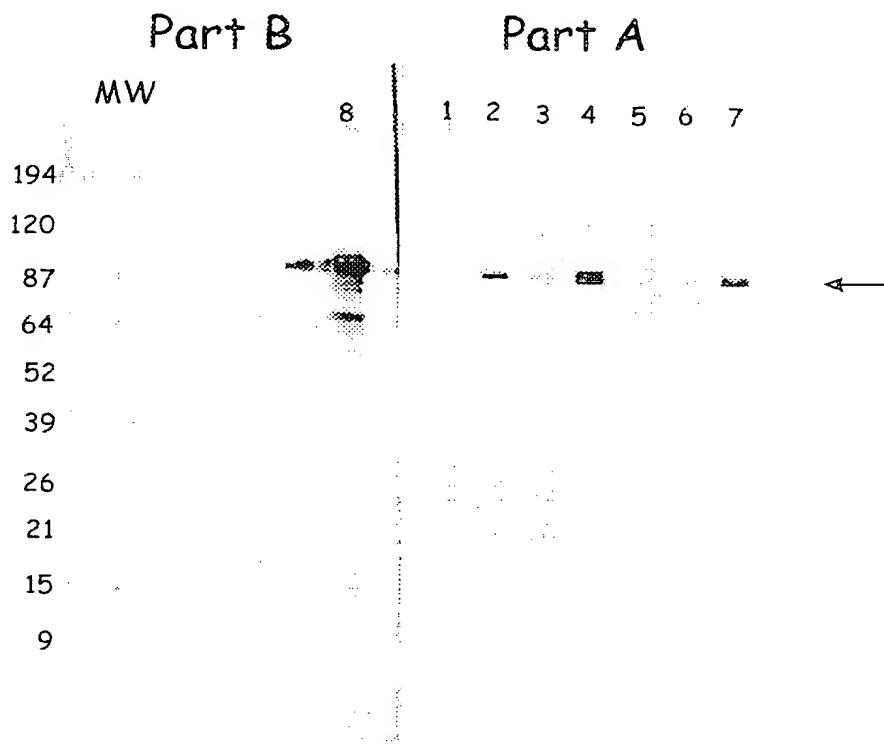


Lanes :

- 1 : convalescent serum n° 262068
- 2 : convalescent serum n° 261732
- 3 : convalescent serum n° 262117
- 4 : convalescent serum n° 261659
- 5 : convalescent serum n° 261469
- 6 : convalescent serum n° 261979
- 7 : convalescent serum n° 261324
- 8 : pool of mice sera imunized with the homolog BASB030 protein from Neisseria gonorrhoeae.

16/17

Figure 7 : Anti-BASB030 antibodies in human convalescent sera (part A) and in immunized mice (part B) by western-blotting using recombinant BASB030 protein into the gel.



Lanes :

- 1 : convalescent serum n° 262068
- 2 : convalescent serum n° 261732
- 3 : convalescent serum n° 262117
- 4 : convalescent serum n° 261659
- 5 : convalescent serum n° 261469
- 6 : convalescent serum n° 261979
- 7 : convalescent serum n° 261324
- 8 : pool of mice sera imunized with the homolog BASB030 protein from Neisseria gonorrhoeae.

17/17

Figure 8 : Protective effect of the anti-BASB030 antibodies in the passive protection model

